

## 病原菌により発現が誘導されるコムギ *TaWRKY45* 遺伝子の構成的過剰発現はコムギ形質転換体に複数の糸状菌に対する病害抵抗性を付与する

Insaf Bahrini<sup>1)</sup>・小川泰一<sup>2)</sup>・小林史典<sup>2)</sup>・川東広幸<sup>2)</sup>・半田裕一<sup>1,2)</sup>

(<sup>1)</sup>筑波大学大学院・生命環境科学研究科, <sup>2)</sup>農業生物資源研究所)

私たちは、コムギ転写因子 *TaWRKY45* をコードする遺伝子を単離し、ベンゾチアジアゾール (BTH) や赤かび病 (FHB) に応答して *TaWRKY45* 遺伝子の発現が誘導されること、その過剰発現が *F. graminearum* に対する抵抗性を高めることを、これまでに明らかにしてきた。本研究では、コムギの病害抵抗性に関する *TaWRKY45* の機能をさらに明らかにするために、うどんこ病菌および赤さび病菌の接種時の *TaWRKY45* の発現解析を行い、さらに、これらの病害に対する *TaWRKY45* 過剰発現形質転換体の抵抗性を評価した。 *TaWRKY45* は、うどんこ病菌 *Blumeria graminis* および赤さび病菌 *Puccinia triticina* の感染により、その発現が誘導された。 *TaWRKY45* 遺伝子の構成的過剰発現は、温

室条件下で栽培したコムギ形質転換体のこれら二つの病害に対する抵抗性を向上させた。しかし、二つの抵抗性関連遺伝子 *Pm3* および *Lr34* の発現は、 *TaWRKY45* 過剰発現形質転換体において誘導されなかった。これらの結果は、 *TaWRKY45* はコムギにおいて複数の糸状菌病害に対する防御応答に関与するが、 *TaWRKY45* による抵抗性誘導は、 *Pm3* や *Lr34* が関与する抵抗性とは異なることを示唆していた。本研究は、 *TaWRKY45* 遺伝子が、コムギにおいて広範囲の病原菌に対する抵抗性を高めるために利用できる可能性を示している。

**Breeding Science** 61: 319–326 (2011)

## N<sub>2</sub>O 処理は、葯体細胞の染色体倍加を誘導し不稔性ユリ種間雑種の花粉稔性を回復させる

温井祥太郎<sup>1)</sup>・北村里美<sup>1,2)</sup>・日置智代<sup>1)</sup>・大塚英昭<sup>3)</sup>・三吉一光<sup>4)</sup>・佐藤孝夫<sup>5)</sup>・高取由佳<sup>6)</sup>・大宮 知<sup>7)</sup>・岡崎桂一<sup>1)</sup>

岡崎桂一<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>新潟大学大学院・自然科学研究科, <sup>2)</sup>現:カネコ種苗, <sup>3)</sup>新潟県農業総合研究所・園芸研究センター, <sup>4)</sup>秋田県立大学・生物資源科学部, <sup>5)</sup>秋田県農林水産技術センター, <sup>6)</sup>佐賀県農業試験研究センター, <sup>7)</sup>北海道花・野菜技術センター)

稔性植物の花粉形成ステージを笑気ガス (N<sub>2</sub>O) 処理することによって、2n 雄性配偶子を獲得することが可能である。一方、不稔性種間雑種植物を N<sub>2</sub>O 処理することによって、減数分裂復旧あるいは体細胞組織の複 2 倍体化を経て種間雑種の稔性を回復することが期待される。しかし、この方法の応用例は限られているほか、N<sub>2</sub>O 処理による不稔性雑種の稔性回復機構も不明である。そこで、本研究では、不稔性種間雑種の花粉稔性を回復させるための最適処理条件確立とその作用機構を細胞組織学的に解明するため、稔性および不稔性ユリ雑種において種々の発達段階の葯を含む花蕾を N<sub>2</sub>O ガスで処理した。可稔性ユリにおいて、最適処理ステージとされる長径 1–4 mm の花蕾を N<sub>2</sub>O 処理すると、雄性胞原細胞の染色体倍加を引き起こし、2n 花粉

が得られた。不稔性ユリ雑種では、N<sub>2</sub>O 処理により雄性胞原細胞の染色体倍加が起こり、その結果、花粉母細胞で相同染色体の対合が生じ正常な減数分裂が行われ、花粉稔性が回復した。N<sub>2</sub>O 処理により得られた稔性回復花粉をシンテッポウユリ (*Lilium*×*formolongi*) への戻し交雑することによって、多数の 3 倍体 BC<sub>1</sub> 植物が得られた。以上、胞原細胞増殖期に対する N<sub>2</sub>O 処理は、ユリ種間雑種の花粉不稔性を効率的に打破し、得られた可稔性 2n 花粉を用い交配すると後代の作出が可能であることが明らかになった。本研究で確立した手法は、ユリの種間交雑や倍数体育種への利用が期待される。

**Breeding Science** 61: 327–337 (2011)

## 染色体断片置換システムを利用したイネの食味関連 QTL の詳細マッピング

Jingjing Li<sup>1)</sup> · Wenwei Zhang<sup>1)</sup> · Hongkai Wu<sup>1)</sup> · Tao Guo<sup>1)</sup> · Xiaolu Liu<sup>2)</sup> · Xiangyuan Wan<sup>3)</sup> · Jiansheng Jin<sup>1)</sup> · Than Thi Thu Hanh<sup>1)</sup> · Nguyen Thi Nhu Thoa<sup>1)</sup> · Mingjiang Chen<sup>1)</sup> · Shijia Liu<sup>1)</sup> · Liangming Chen<sup>1)</sup> · Xi Liu<sup>1)</sup> · Jiankang Wang<sup>2)</sup> · Huqu Zhai<sup>2)</sup> · Jianmin Wan<sup>1,2)</sup>

<sup>1)</sup>Key Laboratory of Crop Genetics and Germplasm Enhancement/ Jiangsu Plant Gene Engineering Research Center, Nanjing Agricultural University, China,

<sup>2)</sup>Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, China, <sup>3)</sup>National Engineering Research Center for Crop Molecular Design, China)

イネ胚乳のアミロース含量とデンプンの糊化特性はコメの食味および炊飯特性を決定する主な要因である。染色体部分置換システムを用いた研究によって、第8染色体のRFLPマーカーR727とG1149の間に、食味ならびに炊飯特性に関与するQTLが同定されていた。本研究では、ラピッドビスコアアナライザーを用いて、糊化特性に関するセットバック値とコンシステンシーに関与する二つのQTLが、同じ染色体領域に存在することを明らかにした。以前に報告されたアミロース含量に関するQTLは遺伝子作用が異なる二つの要因に分解できた。これらの4種類のQTLのうち、*qCSV-8*と*qAC-8-2*は異なる環境下においても安定した遺伝子作用を示した。*qSBI-8*、*qCSV-8*および*qAC-8-1*の候

補領域は部分的に一致しているが、*qAC-8-2*の候補領域とは異なっていることが判明した。アフィメトリクスGeneChip解析によって、*qAC-8-2*の候補領域に存在するデンプン合性に関与する二つの遺伝子がさらなる定量PCRの解析候補として選定された。標的アリル(IR24)をもつsub-CSSLでは、二つの遺伝子の発現の増加が認められ、一方、IR24アリルをもたないsub-CSSLでは、発現の増加は観察されなかった。これらの結果は、二つの遺伝子がコメの品質決定に関与していることを示唆するものである。二つのQTLに連鎖する分子マーカーは高品質のイネ品種選抜におけるマーカー選抜に利用できる。

**Breeding Science** 61: 338–346 (2011)

## 6倍性コムギの耐乾性育種のためのタルホコムギの利用

Quahir Sohail<sup>1)</sup> · 井上知恵<sup>1)</sup> · 田中裕之<sup>2)</sup> · Amin Elsadig Eltayeb<sup>1)</sup> · 松岡由浩<sup>3)</sup> · 辻本 壽<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>鳥取大学・乾燥地研究センター, <sup>2)</sup>鳥取大学・農学部, <sup>3)</sup>福井県立大学・生物資源学部)

耐乾性パンコムギ (*Triticum aestivum* L.) 品種を開発するために利用できる遺伝子はほとんど存在しない。そこで、ひとつの方法として、パンコムギとゲノム構成が同じである合成6倍性コムギ (SW) を作ることににより、野生種がもつ優れた多様性をパンコムギの多様性に利用することがあげられる。本研究で私達は33系統のタルホコムギとそれらを用いて作られた合成コムギ系統を灌水条件および干ばつ条件下で育て、異なる倍数性レベルにおいてタルホコムギ由来の乾燥関連形質の発現を比較し、その育種への適用性について調べた。これらの形質についてタルホコムギには大きな変異があり、合成コムギではさらに大きい変異が出現した。耐乾性パンコムギ品種 Cham 6 より強い合

成コムギも存在し、ある地域から採集されたタルホコムギに由来する合成コムギは優れた性質を示した。タルホコムギとそれに対応する合成コムギ系統間の形質に相関はみられず、このことから2倍性野生植物で発現している形質によって、それを使って作られた合成コムギの形質が予想できないことが明らかとなった。つまり、合成コムギの生産性は、乾燥条件下におけるタルホコムギの適応性や成績いかに係わらず、遺伝子の相互作用の結果として現れること、したがって合成コムギの形質は6倍性レベルで評価すべきであることが明らかとなった。

**Breeding Science** 61: 347–357 (2011)

## *Brassica juncea* L. cv. 黄からしな × *B. napus* におけるメタキセニアおよび偽雑種の発生

津田麻衣<sup>1)</sup> · 小長谷賢一<sup>1,3)</sup> · 奥崎文子<sup>1)</sup> · 金子幸雄<sup>2)</sup> · 田部井豊<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>農業生物資源研究所・遺伝子組換え研究センター, <sup>2)</sup>宇都宮大学・農学部, <sup>3)</sup>現：森林総合研究所・森林バイオ研究センター)

輸入されている遺伝子組換え (GM) セイヨウナタネ (*Brassica napus*) は、日本において必要な法律による承認を受けている。いくつかの GM セイヨウナタネの自生が輸入港周辺で見つかっており、近縁野生種の減少などの近縁種への悪影響の可能性が

あるとして一部の一般市民に懸念がある。*B. juncea* は日本中に分布し、*B. napus* との交雑能力が高いことが知られているため、*B. napus* からの遺伝子浸透が生じることが想定される。しかしながら、*B. juncea* × *B. napus* の交雑組合せにおける遺伝子浸透に

関する報告は極めて少ない。そこで、交雑能力を評価するため、*B. juncea* に対して *B. napus* の人工受粉を行った。多数の後代種子を収穫したところ、後代種子中に偽雑種の発生および種皮におけるメタキセニアの発生を確認した。種皮色については4段階に分類し、偽雑種は形態的特性および Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) マーカーにより確認した。さらに、偽雑種の発生率において *B. napus* に品種間差が認められ、メタ

キセニアの発生と雑種性は関連していた。これらのことから、メタキセニアは *B. juncea* L. cv. 黄からしな × *B. napus* における雑種識別のマーカーとして利用できることが示唆された。また、*B. juncea* × *B. napus* における交雑能力は、単に種子生産性だけで評価するのではなく、検出された真の雑種の有無により交雑性として評価すべきであることが示された。

**Breeding Science** 61: 358–365 (2011)

## 黒さび病およびうどん粉病抵抗性を示す新たなコムギ-*Dasypyrum breviaristatum* 染色体添加系統の分子細胞遺伝学的解析

Cheng Liu<sup>1)</sup> · Guangrong Li<sup>1)</sup> · Hongfei Yan<sup>2)</sup> · Jianping Zhou<sup>1)</sup> · Lijun Hu<sup>1)</sup> · Mengping Lei<sup>1)</sup> · Ling Ran<sup>1)</sup> · Zujun Yang<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>電子科学技術大学, 中国, (<sup>2)</sup>河北農業大学, 中国)

細胞学的に安定なふたつのコムギ-*Dasypyrum breviaristatum* 染色体添加系統すなわち Y93-1-6-6 と Y93-1-A6-4 を分子細胞遺伝学的手法によって同定した。染色体分染法およびゲノミック *in situ* ハイブリダイゼーション法によって Y93-1-6-6 と Y93-1-A6-4 が互いに異なる染色体を添加したコムギ-*D. breviaristatum* 系統であることが示された。これら二つの添加系統をさらに特徴付けるため、6つの PCR-based Landmark Unique Gene と 45の Sequence-Tagged-Site マーカー (合計 51) を 3,774 通りのプライマー/制限酵素の組み合わせから選択した。得られたマーカーの型から Y93-1-6-6 と Y93-1-A6-4 中の *D. breviaristatum* 染色体は再構成されたものであることが示された。黒さび病抵抗性

スクリーニングの結果は両方の添加系統がレース RKQQC に高度抵抗性であること示し、レース TTKSK (Ug99) に対しては Y93-1-6-6 だけが抵抗性であることを示した。うどん粉病抵抗性スクリーニングの結果は Y93-1-6-6 だけが抵抗性であることを示した。家系分析により Y93-1-6-6 の黒さび病およびうどん粉病抵抗性は *D. breviaristatum* に由来する事があきらかとなり、Y93-1-6-6 の *D. breviaristatum* 染色体には新たな黒さび病抵抗性遺伝子と新たなうどん粉病抵抗性遺伝子が座乗することを示した。これら二つの染色体添加系統はコムギ育種において黒さび病およびうどん粉病抵抗性素材として利用しうる。

**Breeding Science** 61: 366–372 (2011)

## *Moricandia arvensis* 細胞質および1染色体をもつ異質細胞質1染色体添加型 *Brassica rapa* 系統の育成とその特性

筒井康太<sup>1,3)</sup> · 鄭 凡喜<sup>2)</sup> · 伊藤由起子<sup>1)</sup> · 房 相佑<sup>1)</sup> · 金子幸雄<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>宇都宮大学・農学部, (<sup>2)</sup>中央農業総合研究センター, (<sup>3)</sup>東京農工大学大学院・連合農学研究科)

*Moricandia arvensis* と *Brassica rapa* 近交系 4 系統との属間交雑が行われ、3つの *M. arvensis* × *B. rapa* 交雑組合せから3個体の雑種 F<sub>1</sub> 植物が育成できた。それらはコルヒチン処理を施し複二倍体化した後、*B. rapa* 'Koi-303' との戻し交雑組合せから胚救済法を用い6個体の BC<sub>1</sub> 植物が育成された。BC<sub>2</sub> 植物および BC<sub>3</sub> 植物は *B. rapa* 'Koi-303' との連続戻し交雑から胚救済法によって、それぞれ1個体と3個体が得られた。異質細胞質1染色体添加型 *B. rapa* 系統 (Allo-MALs, 2n=21) は、3個体の BC<sub>3</sub> 植物 (2n=21, 22, 23) の戻し交雑後代から胚救済法を利用せず

シスのため、1/2MS 培地においても本葉が展開する前に致死した。一方、異質細胞質1染色体添加型 *B. rapa* 系統 (2n=21) は栄養成長および雌性稔性において正常であり、安定的な雄性不稔性を示した。分子生物学的解析によって、それぞれの異質細胞質1染色体添加型 *B. rapa* 系統には同じ *M. arvensis* の染色体と細胞質が添加されていることが明らかとなった。この異質細胞質1染色体添加型 *B. rapa* 系統は *B. rapa* の細胞質雄性不稔系統を育成するための有用な材料であるものと考えられる。

**Breeding Science** 61: 373–379 (2011)

## イネのインディカおよびジャポニカ品種間で見いだされたヘテロシスに関わる遺伝子座の解析

Xiao Yun Xin · Wen Xiang Wang · Jin Shui Yang · Xiao Jin Luo

(State Key Laboratory of Genetic Engineering, Institute of Genetics, School of Life Sciences, Fudan University, China)

近年、作物の雑種強勢（ヘテロシス）の遺伝機構に関する研究が注目されている。本研究では、イネのインディカおよびジャポニカ品種間の交雑により作成されたイントロgression系統群（IL）とその検定交雑  $F_1$  を利用して、収量に関する6形質のヘテロシス関連遺伝子座（HL）の解析を行った。中間親ヘテロシスに関して41カ所のHLが検出された。該当するILと両親系統との検定交雑  $F_1$  はほとんどの収量関連形質を増大させ、超優性に関わるHLが高頻度に存在することがその原因と考えられた。41のHLのうち、38は超優性に関与し、他の遺伝子座との相互作用もなく、残りの3遺伝子座は優性的に関与し

ていた。これらの結果は、イネのヘテロシスの効果が超優性で説明できることを示唆している。24のHLは収量増大に寄与する効果を持っており、これらの遺伝子座は収量の改善に貢献すると考えられた。イントロgression系統群により検出された収量関連形質の量的形質遺伝子座（QTL）と比較して、41のHLのうちわずか4カ所（14.6%）のみがQTLと一致した。このことからヘテロシスと収量に関与する遺伝子座は異なることが示唆された。

**Breeding Science** 61: 380–388 (2011)

## タバコ半数体における *Thielaviopsis basicola* による黒根腐れ病とトマト黄化壊そウイルス病抵抗性の組込みの効果

Anna Trojak-Goluch · Dorota Laskowska · Monika Agacka · Diana Czarnecka · Magdalena Kawka · Anna Czubačka

(Department of Plant Breeding and Biotechnology, Institute of Soil Science and Plant Cultivation, State Research Institute, Poland)

*Thielaviopsis basicola* によって起こる黒根腐れ病（BRR）とトマト黄化壊そウイルス（TSWV）はタバコ栽培地域における最も重大な問題である。我々は、*N. glauca* 由来のBRR抵抗性を有する育成系統 WGL 3 と Polalta 品種由来のTSWV抵抗性を有する育成系統 PW-834 とを交配した。BRRとTSWVとに抵抗性を有する半数体を獲得するために、 $F_1$  雑種植物から得た花粉を培養した。フローサイトメトリー分析によると再分化個体のうち242個体が半数体で2個体が自然倍化半数体であった。すべての半数体はクローン化され、BRRとTSWVに対する抵抗性検定を行った。BRR病原菌の存在は根の顕微鏡観察またはDAS-ELISAテストを用いて確認された。顕微鏡による評価によると

132個体の半数体でBRRによる病徴が見られなかった。 $F_1$  雑種個体において病徴が見られなかったことと合わせて判断すると、BRR抵抗性は単一優性遺伝子によることを示唆している。一方、TSWVに対しては、30個体の半数体が抵抗性を示した。TSWV抵抗性遺伝子と連鎖したSCARマーカーによる遺伝子検出を行った。その結果、低いTSWV抵抗性個体頻度は、配偶子の活力を低下させる有害遺伝子が抵抗性遺伝子の近傍にあることが原因であると思われた。総合すると、24個体の半数体がBRRとTSWVに対する複合抵抗性を示した。

**Breeding Science** 61: 389–393 (2011)

## 日長感受性候補遺伝子および発現配列標識マーカーを用いたソバにおける日長感受性 QTL 解析

原 尚資<sup>1)</sup> · 岩田洋佳<sup>2)</sup> · 奥野員敏<sup>1)</sup> · 松井勝弘<sup>3)</sup> · 大澤 良<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>筑波大学大学院・生命環境科学研究科, <sup>2)</sup>東京大学大学院・農学生命科学研究科, <sup>3)</sup>農研機構・九州沖縄農業研究センター)

ソバ (*Fagopyrum esculentum* Moench) の適応と生態型育種に関連する重要な形質として日長感受性が挙げられる。本種の日長感受性は量的形質遺伝子座（QTLs）により制御されていると考えられてきたが、日長感受性に関連する遺伝子または領域は

これまでに特定されていない。本研究において、2つの自殖系統、02AL113(Kyukei SC2)LH.self および C0408-0 RP の交雑により作製した  $F_4$  分離集団 (n=100) を用いて、日長感受性を制御するゲノム領域の特定を試みた。各  $F_4$  個体について76個の発

現配列標識 (EST) マーカーの遺伝子型を決定して QTL 解析を行うとともに、シロイヌナズナの日長感受性遺伝子と同一性を持つ3つの日長感受性候補遺伝子 (*FeCCA1*, *FeELF3* および *FeCOL3*) を特定し、各  $F_4$  個体における多型を調べ、日長感受性との関連を解析した。QTL 解析の結果、Fest\_L0606\_4 および Fest\_L0337\_6 の2つの EST 領域に日長感受性との関連性が認められ、それぞれ表現型変異の 20.0% および 14.2% を説明するものであった。これらの EST 領域に関して、02AL113(Kyukei

SC2)LH.self に由来する対立遺伝子により早咲きになることが明らかとなり、さらに Fest\_L0606\_4 と Fest\_L0337\_6 との間にエピスタシスが確認された。また、候補遺伝子の関連解析においては、*FeELF3* が日長感受性に対する有意な相関を示した。これらの結果は、ソバの日長感受性が同義遺伝子作用と日長感受性候補遺伝子で構成される経路により制御されていることを明示するものである。

**Breeding Science** 61: 394-404 (2011)

## 日本のコムギ品種における不感光性遺伝子 *Ppd-B1a* と *Ppd-D1a* の分布と出穂期への効果

関 昌子<sup>1,2)</sup>・蝶野真喜子<sup>1)</sup>・松中 仁<sup>3)</sup>・藤田雅也<sup>3)</sup>・小田俊介<sup>1)</sup>・久保堅司<sup>3)</sup>・乙部千雅子<sup>1)</sup>・小島久代<sup>1)</sup>・西田英隆<sup>2)</sup>・加藤鎌司<sup>2)</sup>

(<sup>1)</sup>作物研究所, (<sup>2)</sup>岡山大学大学院・自然科学研究科, (<sup>3)</sup>九州沖縄農業研究センター)

日本コムギ品種の感光性遺伝子 *Ppd-B1* と *Ppd-D1* の遺伝子型を PCR 法により決定し、遺伝子型間で出穂期の早晩を比較した。北海道の品種を除くと、日本のコムギ品種のほとんどが不感光性遺伝子 *Ppd-D1a* を保有しており、*Ppd-D1b* を保有する品種に比べて出穂が 10.3 日早いことが明らかになった。この結果より、収穫前の雨害を避けるために、より早生となる *Ppd-D1a* を有する品種が選抜されてきたと考えられた。一方、北海道の品種では *Ppd-D1a* の頻度が少なく、しかも *Ppd-D1* 遺伝子型にかかわらず出穂期が遅いことが明らかになった。これらの結果から北海道品種では、出穂期を遅くする別の遺伝的要因があるものと推察された。

本研究では、11 品種のみが *Ppd-B1a* を保有しており、そのすべてが *Ppd-D1a* を併せて保有していた。*Ppd-B1a/Ppd-D1a* 遺伝子型は *Ppd-B1b/Ppd-D1a* 遺伝子型より出穂が 6.7 日早かったことから、*Ppd-D1a* を保有する遺伝的背景において *Ppd-B1a* の早生化効果が明瞭に示された。したがって、日本においては、*Ppd-D1a* を保有する中生品種に *Ppd-B1a* を導入することにより極早生品種が育成されたことが確認された。また、育成系譜の解析により、*Ppd-B1a* が白ボロ 21 号に由来すること、そして旧中国農業試験場で育成された早生の中国系統を経て極早生コムギ 3 品種に導入されたことが明らかになった。

**Breeding Science** 61: 405-412 (2011)

## ダイコン (*Raphanus sativus* L.) におけるゲノムおよび EST-SSR の開発

中辻諒一<sup>1)</sup>・橋田友子<sup>1)</sup>・松本直子<sup>2)</sup>・津呂正人<sup>3)</sup>・久保中央<sup>1)</sup>・平井正志<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>京都府立大学大学院・生命環境科学研究科, (<sup>2)</sup>京都府立大学・農学部, (<sup>3)</sup>名城大学・農学部)

ダイコン (*Raphanus sativus* L.) はアブラナ科に属し、アブラナ属の近縁種である。この種は大きな形態的変異を示し、特にアジアにおいて重要な野菜である。しかしながら、ダイコンの分子生物学的研究はアブラナ属と比べて遅れている。例えば、SSR (単純反復配列) マーカーの報告は限られている。ここで我々は、SSR 濃縮ゲノムライブラリーと cDNA データから 417 個のダイコン SSR マーカーを設計した。PCR に成功した 256 個の SSR マーカーのうち 130 個が、2つのダイコン系統 (サヤダイコンと日本のダイコン品種 '春福') 間で明瞭な多型を示した。本 SSR を評価するためのテストケースとして、我々は 2つの研究を行った。まず最初に、我々は 16 個の SSR を選択し、ダイ

コン 16 品種と他のアブラナ科植物 4 種を用いて多型情報含有値 (PIC) を計算した。これらのマーカーは 3-15 (平均 9.6) 個の対立遺伝子を検出した。PIC 値は 0.54 から 0.92 (平均 0.78) の範囲だった。次に、本 SSR の一部を、我々が以前に解析した分離集団を用いてマッピングに供試した。連鎖地図は、9 連鎖群で全長 672.7 cM におよんだ。21 個のダイコン SSR マーカーは連鎖群に渡って分布した。本研究で開発した SSR マーカーは有益な情報をもたらし、ダイコンやその近縁種における遺伝解析に有用であると考えられる。

**Breeding Science** 61: 413-419 (2011)

## 高多型性の SSR マーカーによるイチゴの品種判別

本城正憲<sup>1)</sup>・布目 司<sup>2)</sup>・片岡 園<sup>1)</sup>・矢野孝喜<sup>1)</sup>・山崎浩道<sup>1)</sup>・濱野 恵<sup>1)</sup>・由比 進<sup>1)</sup>・森下昌三<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>東北農業研究センター, <sup>2)</sup>野菜茶業研究所)

新しく開発した2つの SSR マーカーおよび既報の2つの SSR マーカーによって、イチゴ品種の遺伝子型を決定した。栽培イチゴ 72 品種・系統および8倍体野生種3系統について、4 マーカーすべてにおいて解読可能な電気泳動図が得られた。これらの SSR マーカーは多型性が高く、特に、新規に開発した SSR マーカー FxaHGA02P13 は、75 品種・系統中、突然変異育種により育成された品種とその元品種を除く、73 品種・系統を識別できた。2つのマーカーを組合せることによって、同じ両親由

来の実生 48 個体を識別することができた。同一品種・系統における葉、がく、果肉など異なる検査サンプル間で遺伝子型が一致し、部位間での再現性が認められた。全 75 品種・系統について、遺伝子型データに基づく主座標分析を行った結果、分類群や品種が育成された地域を反映したいくつかのグループが認められた。これら新規開発した SSR マーカーと既報のマーカーはイチゴ遺伝資源の管理や育成者権の保護に役立つであろう。

**Breeding Science** 61: 420–425 (2011)

## *Solanum demissum* (2n=6x=72) から *S. tuberosum* (2n=4x=48) へ母系で遺伝する DNA マーカー

實友玲奈<sup>1,2)</sup>・保坂和良<sup>2)</sup>

(<sup>1)</sup>神戸大学大学院・農学研究科, <sup>2)</sup>北海道農業研究センター)

メキシコ産野生6倍種 *Solanum demissum* (*dms*) はこれまでの育種において母親としてのみ利用されてきた。結果として生じる *dms* 細胞質を持つ系統は、たくさんの花粉を出す機能を持たない。Band 1 と名付けた 170 塩基対からなる DNA 断片は、元々 *dms* と *S. tuberosum* の雑種で見つけられたものである。本研究では、周辺領域の解読を進め 1,032 塩基対まで明らかにしたが、既知配列と同一性は見られなかった。この Band 1 を含む領域にはイントロンが含まれず、すべてが mRNA に転写されて

いた。また、戻し交雑において *dms* から *S. tuberosum* へ母系遺伝をしていた。*dms* の 3 系統、38 種 168 系統の栽培種とその近縁野生種、さらに 158 品種・育種系統を調査した結果、Band 1 は *dms* および *dms* 細胞質を持つ品種・系統にのみ特異的に検出されることが明らかとなった。したがって、Band 1 は *dms* 細胞質を識別する有用なマーカーとなり、育種において効率的な交配組み合わせを策定することができる。

**Breeding Science** 61: 426–434 (2011)